昆 虫 学 报 *Acta Entomologica Sinica*, March 2007, 50(3):264 - 270 ISSN 0454-6296

烟粉虱 B 型和 Q 型群体遗传结构的 RAPD 分析

褚 栋[1,2],陈国发[3],徐宝云[2],吴青君[2],张友军[2,*]
(1. 山东省农业科学院高新技术研究中心,济南 250100;2. 中国农业科学院蔬菜花卉研究所,北京 100081;
3. 湖南省郴州市农业局,湖南郴州 423001)

摘要:近 20 年来,烟粉虱 B 型传入世界各地并暴发成灾,成为一种重要的农业入侵害虫;烟粉虱 Q 型则是近几年引起人们高度重视的一种新的入侵生物型,目前已传入许多国家并造成一定危害。本文利用 RAPD 分子标记对烟粉虱 B 型和 Q 型不同地理种群的遗传结构进行了分析。结果表明:(1)引物 H16 对烟粉虱 B 型不同种群扩增的特异带,能有效区分烟粉虱 B 型和 Q 型、浙江非 B/Q 型种群;(2)烟粉虱 Q 型种群各项遗传多样性指数均比烟粉虱 B 型的要高;(3)我国烟粉虱 Q 型来自伊比利亚半岛的可能性比来自中东地区的可能性要大。另外,聚类分析结果提示,RAPD 分子标记能有效地区分烟粉虱不同生物型,但可能不适用于生物型之间亲缘关系分析。

关键词:烟粉虱 B 型;烟粉虱 Q 型;遗传结构;RAPD
中图分类号:Q969 **文献标识码**:A **文章编号**:0454-6296(2007)03-0264-07

RAPD analysis of population genetic structure of *Bemisia tabaci* biotype B and biotype Q

CHU Dong[1,2], CHEN Guo-Fa[3], XU Bao-Yun[2], WU Qing-Jun[2], ZHANG You-Jun[2,*] (1. High-tech Research Center, Shandong Academy of Agricultural Sciences, Jinan 250100, China; 2. Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China; 3. Agricultural Bureau of Chenzhou County, Hunan Academy of Agricultural Sciences, Chenzhou, Hunan 423001, China)

Abstract: *Bemisia tabaci* biotype B has been an invasive agricultural pest worldwide during the past two decades. Compared with the biotype B, biotype Q is a new invasive biotype. However, biotype Q has invaded into numerous countries and caused severe losses. The genetic structure of biotype B and biotype Q was analyzed using random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers here. The results showed that:(1) the specific amplified patterns using the primer H16 could distinguish biotype B populations from biotype Q populations and non-B/Q biotype population in Zhejiang province;(2) the genetic diversity of biotype Q was higher than that of biotype B;(3) biotype Q more likely originated from Iberian peninsula than from Middle Eastern regions. Our results also suggest that RAPD markers seem to be unsuitable to be used in analysis of the relationships of different biotypes, though they could be used to distinguish the different biotypes.

Key words: *Bemisia tabaci* biotype B; *Bemisia tabaci* biotype Q; genetic structure; RAPD

烟粉虱复合种(*Bemisia tabaci* species complex)含有许多具有显著遗传分化的生物型,其中烟粉虱 B 型是一种世界性的入侵害虫,近 20 年来传入许多国家或地区并暴发成灾,造成严重的经济损失(褚栋等,2004)。相对于烟粉虱 B 型,烟粉虱 Q 型是近几年引起人们高度重视的一种新的致害生物型。最初认为烟粉虱 Q 型仅仅分布在伊比利亚半岛(Guirao *et al*.,1997),但随后在德国(Nauen *et al*.,2002),加那利群岛、意大利、摩洛哥、阿尔及利亚、以色列、突尼斯和埃及(Rúa *et al*., 2006),以及塞浦路斯(Denholm,私人通讯)等地中海周边国家也发现了该生物型。目前,烟粉虱 Q 型已成功传入许多非地中海周边国家,如中国(褚栋等,2005b;Zhang *et al*., 2005),美国、危地马拉和墨西哥(Brown,私人通讯),

---

基金项目:国家重点基础研究发展计划资助项目(2002CB111400);国家自然科学基金项目(30500331);北京市自然科学基金项目(6062024)
作者简介:褚栋,男,1977 年生,博士,副研究员,山东枣庄人,主从事入侵生物学和昆虫分子生态学研究,E-mail:chudong1977@hotmail.com
* 通讯作者 Author for correspondence, Tel.:010-68919518(O);E-mail:zhangyj@mail.caas.net.cn
收稿日期 Received:2006-08-09;接受日期 Accepted:2007-02-26

以及日本（Ueda and Brown，2006）等。最新研究表明，烟粉虱Q型在我国浙江省局部地区大量发生危害，2005年在浙江省萧山地区大棚黄瓜上采到的烟粉虱全为Q型，在田间种植的棉花和甘薯上烟粉虱Q型占所有烟粉虱比例约为50%；2006年6月，杭州市郊区部分大棚内烟粉虱大发生，经系统抽样鉴定为Q型（徐婧等，2006）。

由于烟粉虱Q型比B型具有更大的潜在危害性，烟粉虱Q型入侵生物学的各个方面成为了各国研究的又一热点。目前，对烟粉虱Q型和B型生物学特性如生长发育、产卵量、危害性（Muniz，2000；Muniz and Nombela，2001；Pascual and Callejas，2004），抗药性（Horowitz *et al*.，2005），以及内共生菌（褚栋等，2005a）等进行了广泛的比较研究，而利用分子标记比较烟粉虱B型和Q型不同种群遗传结构的报道较少。RAPD（Random Amplified Polymorphic DNA）分子标记具有简便、快捷、成本较低等优点，目前已被广泛用于烟粉虱不同种群遗传变异的研究中（Gawel and Bartlett，1993；de Barro and Driver，1997；Guirao *et al*.，1997；Moya *et al*.，2001；Lima *et al*.，2002）。本文采用这种分子标记对烟粉虱B型和Q型不同地理种群的遗传结构进行分析，主要有3个目的：第一，获得能够快速区分烟粉虱B型和Q型的分子标记；第二，分析入侵我国烟粉虱B型和Q型与其他地区烟粉虱的关系；第三，比较烟粉虱B型和Q型的群体遗传结构特征，探讨入侵性生物型的遗传学基础。此外，我们也探讨了RAPD分子标记在烟粉虱生物型亲缘关系分析中的局限性。

1　材料与方法

1.1　供试虫源

从不同国家及地区采集了21个烟粉虱种群和作为外群的1个温室白粉虱 *Trialeurodes vaporariorum* 种群，其采集地点、寄主植物、物种/生物型、采集时间以及简称如表1所示，样品均在－20℃低温保存。烟粉虱生物型的鉴定均基于线粒体COⅠ序列（Chu *et al*.，2006）。其中北京海淀和云南昆明烟粉虱Q型为我国入侵种群（褚栋等，2005b；Chu *et al*.，2006），Arizona州烟粉虱B型、Texas州烟粉虱B型分别由美国Arizona大学Judith K Brown博士、美国农业部Matthew Ciomperlik博士赠送，以色列烟粉虱B型和Q型均由以色列Volcani Center农业研究中心Rami Horowitz博士赠送。

1.2　烟粉虱不同种群DNA池的构建

0.2 mL Eppendorf离心管加入10头烟粉虱成虫和100 μL裂解液（1% SDS，10 mmol/L Tris-HCl，pH＝8.0，25 mmol/L NaCl，25 mmol/L EDTA）。DNA提取方法，参照褚栋等（2005a）。

1.3　RAPD反应体系及条件

反应体系和条件参考de Barro和Driver（1997）并有所改进，PCR反应体系20 μL，含2 μL反应缓冲液，1.5 U Taq酶，2.5 mmol/L $MgCl_2$，0.35 mmol/L dNTPs，模板DNA为40 μg，0.5 μL的25 μmol/L随机引物，用ddH_2O定容至20 μL。在MJ-100PCR仪上进行反应，条件为94℃ 5 min，36℃ 2 min，72℃ 3 min；然后46循环，该循环为94℃ 30 s，36℃ 45 s，72℃ 1 min；最后72℃延伸5 min。RAPD中所用的随机引物分别为H16（5′ TCTCAGCTGG3′）、H9（5′ TGTAGCTGGG3′）、F12（5′ ACGGTACCAG3′）、F2（5′ GAGGATCCCT3′）（de Barro and Driver，1997）。

1.4　RAPD结果统计分析

将RAPD扩增后的产物在1.5%琼脂糖胶上电泳，电压80 V，电泳缓冲液为0.5×TBE。电泳结束后进行读带，有带的记为1，无带的记为0。将数据输入POPGEN32软件，计算烟粉虱不同种群的遗传距离以及不同生物型的Nei ’s（1973）多样性指数，Shannon信息指数以及多态性位点比例。同时，根据统计数据，利用DPS2000（3.1.0.1版）（唐启义和冯明光，1997）中0-1系统聚类［重心聚类方法］进行聚类分析。

2　结果与分析

2.1　检测结果

实验表明，用de Barro和Driver（1997）筛选的4条引物扩增不同生物型烟粉虱的多态性较好（图1，2），其中引物H16能对B型烟粉虱在300～600 bp扩增出3条特异带（如图1箭头所示），而对烟粉虱Q型、浙江非B/Q型以及温室白粉虱则没有。

2.2　烟粉虱不同生物型种群的遗传多样性

不同生物型烟粉虱种群的遗传多样性分析表明（表2），烟粉虱Q型种群各项遗传多样性指数均比烟粉虱B型的要高，如所有烟粉虱Q型种群Nei氏多样性指数、Shannon信息指数及多态性位点比例（分别为0.1321，0.1965，34.29%）远远高于烟粉虱B型种群相应指数（分别为0.0100，0.0200，8.57%）。

表 1 样品来源及其相关信息

Table 1 Data of whitefly samples collected from different locations

种群代码 Population code	种类及生物型 Species and biotype	采集地点 Sampling location	寄主植物 Host plant	采集时间 Sampling date	简称 Acronym
1	烟粉虱 B 型 *B. tabaci* biotype B	河南郑州 Zhengzhou, Henan	甘蓝 Broccoli	2003.10	HeN1-B
2	烟粉虱 B 型 *B. tabaci* biotype B	北京 Beijing	黄瓜 Cucumber	2003.8	BeiJ1-B
3	温室白粉虱 *T. vaporariorum*	山西运城 Yuncheng, Shanxi	棉花 Cotton	2003.7	ShanX-TV
4	烟粉虱 B 型 *B. tabaci* biotype B	以色列 Israel	棉花 Cotton	2003.8	Israel1-B
5	烟粉虱类 Q 型 *B. tabaci* biotype Q	以色列 Israel	棉花 Cotton	2003.8	Israel2-Q
6	烟粉虱 B 型 *B. tabaci* biotype B	西班牙 Spain	–	2003.8	Spain-B
7	烟粉虱 Q 型 *B. tabaci* biotype Q	西班牙 Spain	–	2003.8	Spain-Q
8	烟粉虱 B 型 *B. tabaci* biotype B	美国亚利桑那州 Arizona, USA	扶桑 Hibiscus	2003.8	AZ-B
9	烟粉虱 B 型 *B. tabaci* biotype B	美国加利福尼亚州 California, USA	茄子 Eggplant	2003.9	CL-B
10	烟粉虱 B 型 *B. tabaci* biotype B	澳大利亚 Australia	–	2004.1	Aus-B
11	烟粉虱 B 型 *B. tabaci* biotype B	北京 Beijing	辣椒 Pepper	2003.8	BeiJ2-B
12	烟粉虱 B 型 *B. tabaci* biotype B	山东枣庄 Zaozhuang, Shandong	黄瓜 Cucumber	2003.8	ShanD1-B
13	烟粉虱 B 型 *B. tabaci* biotype B	江苏南京 Nanjing, Jiangsu	棉花 Cotton	2003.7	JiangS-B
14	烟粉虱 B 型 *B. tabaci* biotype B	浙江杭州 Hangzhou, Zhejiang	–	2003.8	ZheJ-B
15	烟粉虱非 B/Q 型 *B. tabaci* non-B/Q biotype	浙江杭州 Hangzhou, Zhejiang	–	2003.8	ZheJ-NBQ
16	烟粉虱 Q 型 *B. tabaci* biotype Q	云南昆明 Kunming, Yunnan	一品红 Poinsettia	2003.8	YunN-Q
17	烟粉虱 B 型 *B. tabaci* biotype B	新疆吐鲁番 Tulufan, Xinjiang	一品红 Poinsettia	2003.10	XinJ-B
18	烟粉虱 Q 型 *B. tabaci* biotype Q	北京 Beijing	黄瓜 Cucumber	2003.10	BeiJ3-Q
19	烟粉虱 B 型 *B. tabaci* biotype B	山东泰安 Tai’an, Shandong	–	2003.8	ShanD2-B
20	烟粉虱 B 型 *B. tabaci* biotype B	河南郑州 Zhengzhou, Henan	棉花 Cotton	2003.12	HeN2-B
21	烟粉虱 B 型 *B. tabaci* biotype B	河南郑州 Zhengzhou, Henan	白菜 Cabbage	2003.12	HeN3-B
22	烟粉虱 B 型 *B. tabaci* biotype B	河南郑州 Zhengzhou, Henan	南瓜 Pumpkin	2003.10	HeN4-B

“ – ’表示未知。“ – ”indicates“ unknown ”.

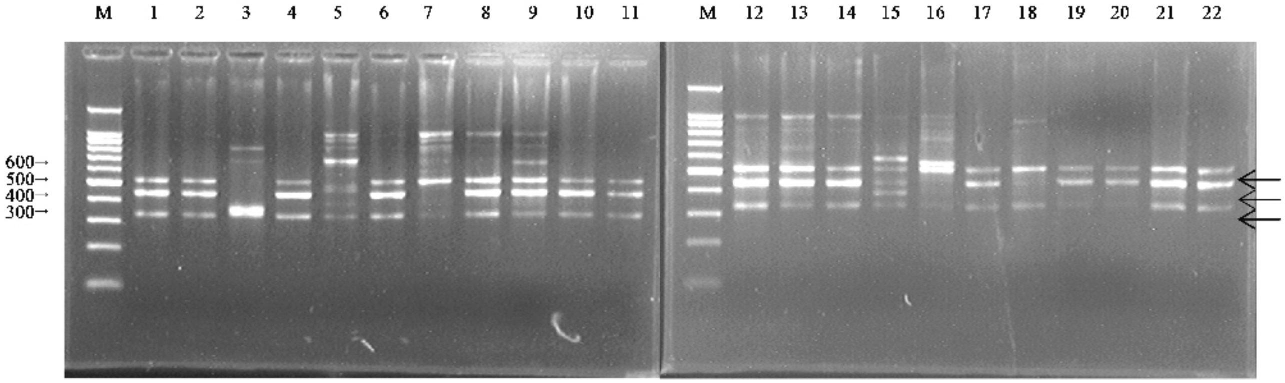

图 1　引物 H16 的 RAPD 扩增图谱

Fig. 1　Example of RAPD patterns generated with primer H16

箭头示烟粉虱 B 型特异带，种群编码如表 1 所示 Arrows indicate the specific bands of *Bemisia tabaci* biotype B. Population codes are showed in Table 1. M：分子量标准 100 bp DNA ladder.

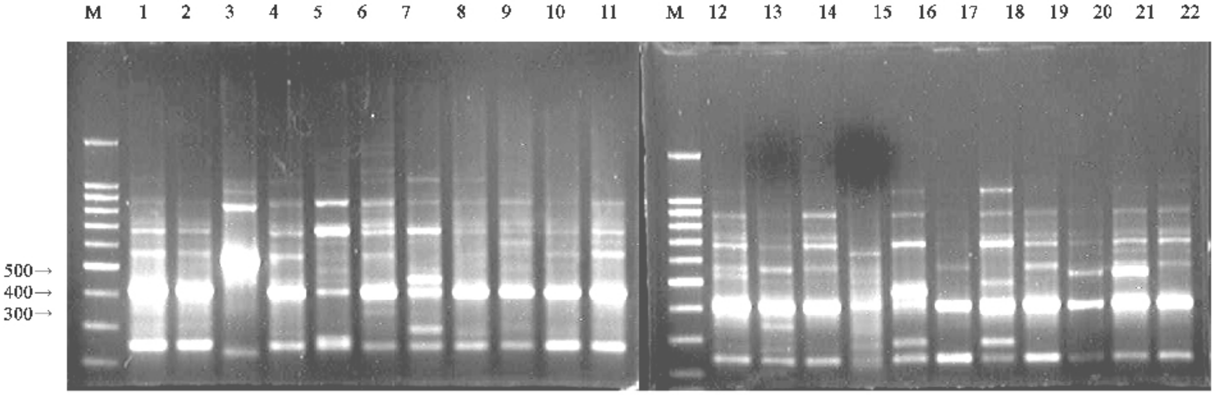

图 2　引物 F12 的 RAPD 扩增图谱

Fig. 2　Example of RAPD patterns generated with primer F12

种群编码如表 1 所示 Population codes as shown in Table 1. M：分子量标准 100 bp DNA ladder.

表 2　烟粉虱 B 型与 Q 型种群及所有烟粉虱种群的遗传多样性

Table 2　Genetic diversity of *Bemisia tabaci* biotype B and biotype Q populations and all *Bemisia tabaci* populations

烟粉虱种群 Populations	Nei 氏多样性指数 Nei's gene diversity index	Shannon 信息指数 Shannon informative index	多态性位点比例 Percent polymorphic loci (%)
烟粉虱 B 型(16)* Biotype B(16)*	0.0100	0.0200	8.57
烟粉虱 Q 型(4)* Biotype Q(4)*	0.1321	0.1965	34.29
烟粉虱所有种群 Total *B. tabaci* biotypes	0.1576	0.2680	77.14

* 括号内为统计的种群数量 The number in the parenthesis indicates the number of populations analyzed.

2.3　烟粉虱不同生物型种群的遗传距离及聚类分析

表 3 数据表明：白粉虱种群与烟粉虱种群的遗传距离在 0.6107～0.8473 之间。所有烟粉虱 B 型种群遗传距离在 0～0.0588 之间；所有烟粉虱 Q 型种群遗传距离在 0.0588～0.3773 之间，其中以色列烟粉虱 Q 型与其他地区烟粉虱 Q 型遗传距离较远，均在 0.2595～0.3773 之间，而其他烟粉虱 Q 型种群遗传距离均在 0.0588～0.1542 之间；烟粉虱 Q 型与 B 型种群间遗传距离在 0.3365～0.6109 之间。烟粉虱浙江非 B/Q 型种群与 Q 型、B 型种群遗传距离范围分别 0.5596～0.8473、0.5108～0.6109。聚类分析表明(图 3)，RAPD 能够有效区分不同的生物型。

表 3 不同生物型烟粉虱种群间遗传距离

Table 3 The genetic distance between the populations of different biotype of *Bemisia tabaci*

种群代码 Population code	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21
2	0.0000																				
3	0.7828	0.7828																			
4	0.0000	0.0000	0.7828																		
5	0.4643	0.4643	0.6109	0.4643																	
6	0.0290	0.0290	0.7221	0.0290	0.4199																
7	0.5596	0.5596	0.6109	0.5596	0.2595	0.5108															
8	0.0000	0.0000	0.7828	0.0000	0.4643	0.0290	0.5596														
9	0.0000	0.0000	0.7828	0.0000	0.4643	0.0290	0.5596	0.0000													
10	0.0000	0.0000	0.7828	0.0000	0.4643	0.0290	0.5596	0.0000	0.0000												
11	0.0000	0.0000	0.7828	0.0000	0.4643	0.0290	0.5596	0.0000	0.0000	0.0000											
12	0.0000	0.0000	0.7828	0.0000	0.4643	0.0290	0.5596	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000										
13	0.0290	0.0290	0.8473	0.0290	0.5108	0.0588	0.6109	0.0290	0.0290	0.0290	0.0290	0.0290									
14	0.0000	0.0000	0.7828	0.0000	0.4643	0.0290	0.5596	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0290								
15	0.5596	0.5596	0.7221	0.5596	0.7221	0.6109	0.8473	0.5596	0.5596	0.5596	0.5596	0.5596	0.6109	0.5596							
16	0.4643	0.4643	0.6109	0.4643	0.2595	0.4199	0.0588	0.4643	0.4643	0.4643	0.4643	0.4643	0.5108	0.4643	0.7221						
17	0.0000	0.0000	0.7828	0.0000	0.4643	0.0290	0.5596	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0290	0.0000	0.5596	0.4643					
18	0.3365	0.3365	0.7828	0.3365	0.3773	0.3773	0.1542	0.3365	0.3365	0.3365	0.3365	0.3365	0.3773	0.3365	0.5596	0.0896	0.3365				
19	0.0000	0.0000	0.7828	0.0000	0.4643	0.0290	0.5596	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0290	0.0000	0.5596	0.4643	0.0000	0.3365			
20	0.0000	0.0000	0.7828	0.0000	0.4643	0.0290	0.5596	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0290	0.0000	0.5596	0.4643	0.0000	0.3365	0.0000		
21	0.0290	0.0290	0.7221	0.0290	0.5108	0.0588	0.6109	0.0290	0.0290	0.0290	0.0290	0.0290	0.0588	0.0290	0.5108	0.5108	0.0290	0.3773	0.0290	0.0290	
22	0.0000	0.0000	0.7828	0.0000	0.4643	0.0290	0.5596	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0000	0.0290	0.0000	0.5596	0.4643	0.0000	0.3365	0.0000	0.0000	0.0290

注 Note：以温室白粉虱为外群 Outgroup：*Trialeurode vaporariorum*；代码如表 1 所示 The codes as shown in Table 1.

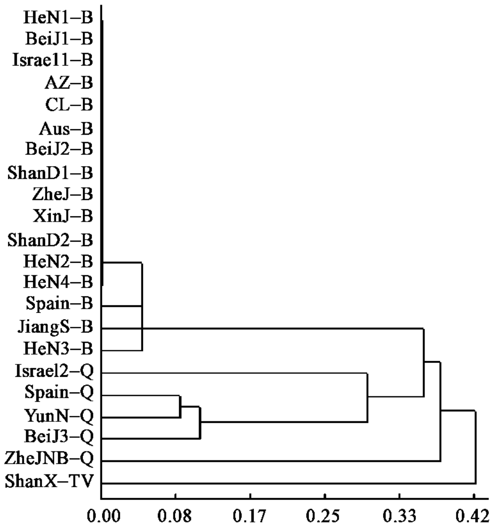

图3　烟粉虱不同生物型的聚类分析

Fig. 3　Dendrogram for different *Bemisia tabaci* biotypes with *Trialeurodes vaporariorum* as outgroup

简称见表1 Acronyms as shown in Table 1.

3　结论与讨论

本文利用RAPD分子标记对烟粉虱B型和Q型不同地理种群的遗传结构进行分析，结果表明：

第一，本实验利用de Barro和Driver（1997）筛选的4条引物进行RAPD的结果表明，4条引物在扩增不同生物型烟粉虱种群中均具有较好的多态性。其中引物H16对烟粉虱B型不同种群扩增结果中，在300~600 bp间有3条可以有效区分烟粉虱B型和烟粉虱Q型、烟粉虱浙江非B/Q型以及温室白粉虱的特异带。引物H16扩增特征带确定的烟粉虱B型与利用线粒体COⅠ鉴定结果（Chu *et al*.，2006）是一致的。

第二，不同生物型烟粉虱种群的遗传多样性分析表明，烟粉虱Q型种群各项遗传多样性指数均比烟粉虱B型的要高。该结果与Moya等（2001）对伊比利亚半岛烟粉虱Q型和B型种群RAPD分析结果是一致的。一般认为，遗传多样性的高低反映了物种适应环境能力的强弱。遗传多样性降低对种群发展往往是不利的（Saccheri *et al*.，1998）。Q型、B型均是成功入侵世界各地的烟粉虱生物型，其种群遗传多样性存在较大的差异。因此，入侵物种遗传多样性高低是否能够反映其入侵能力的强弱尚需进一步的深入研究。这些问题的解决对探讨入侵种群遗传多样性与生物入侵的关系，揭示新致害类群形成的遗传机制具有重要理论价值。

第三，以色列烟粉虱Q型与其他Q型遗传距离较远，这与基于线粒体COⅠ序列构建的系统树（褚栋等，2005b）具有一致性。我国云南昆明、北京的烟粉虱Q型与西班牙Q型遗传距离相对较小，因此可以推测我国烟粉虱Q型来自伊比利亚半岛的可能性比来自中东地区的可能性要大。

另外，聚类分析提示，RAPD能够有效区分不同的生物型。然而，利用其他聚类距离和聚类方法时（文中未示），烟粉虱浙江非B/Q型种群常常和烟粉虱B型种群聚在一起，似乎具有更近的亲缘关系，这与基于线粒体COⅠ构建的系统树（褚栋等，2005b）不一致。这表明RAPD分子标记可以有效的区分烟粉虱生物型，这与前人研究结果是一致的（Gawel and Bartlett，1993；de Barro and Driver，1997；Guirao *et al*.，1997；Moya *et al*.，2001；Lima *et al*.，2002），但是该分子标记可能不适用于烟粉虱不同生物型间的亲缘关系分析。

致谢　美国Arizona大学Judith K Brown博士、美国农业部Matthew Ciomperlik博士、以色列Volcani Center农业研究中心Rami Horowitz博士、中国农业科学院植保所万方浩研究员、浙江大学应用昆虫学研究所刘树生教授、中国农业科学院植保所雷仲仁研究员、北京市农林科学院植物保护环境保护研究所罗晨博士、昆虫生理生态国际研究所夏云龙博士、中国农业科学院植物保护研究所韩兰芝博士为本项研究提供了国内外烟粉虱种群，河南省农业科学院植保所昆虫组刘爱芝、李素娟等老师在烟粉虱采集中提供了帮助，审稿人对本文提出了详细而宝贵的意见和建议，在此表示感谢！

参考文献（References）

Chu D，Cong B，Zhang YJ，Xu BY，Wu QJ，Zhu GR，2005a. Detection and phylogenetic analysis of *Wolbachia* in different *Bemisia tabaci* biotypes. *Acta Entomologica Sinica*，48（4）：518－525.［褚栋，丛斌，张友军，徐宝云，吴青君，朱国仁，2005a. 不同生物型烟粉虱体内*Wolbachia*共生菌的检测及其系统树分析. 昆虫学报，48（4）：518－525］

Chu D，Zhang YJ，Cong B，Xu BY，Wu QJ，Zhu GR，2005b. Sequences analysis of mtDNA COⅠ gene and molecular phylogeny of different geographical populations of *Bemisia tabaci*（Gennadius）. *Scientia Agricultura Sinica*，38（1）：76－85.［褚栋，张友军，丛斌，徐宝云，吴青君，朱国仁，2005b. 烟粉虱不同地理种群的mtDNA COⅠ基因序列分析及其系统发育. 中国农业科学，38（1）：76－85］

Chu D，Zhang YJ，Brown JK，Cong B，Xu BY，Wu QJ，Zhu GR，2006.

The introduction of the exotic Q biotype of *Bemisia tabaci* （Gennadius） from the Mediterranean region into China on ornamental crops. *Florida Entomologist*，89（2）：168 – 174.

Chu D，Zhang YJ，Cong B，Xu BY，Wu QJ，2004. The invasive mechanism of a world important pest，*Bemisia tabaci* （Gennadius） biotype B. *Acta Entomologica Sinica*，47（3）：400 – 406. ［褚栋，张友军，丛斌，徐宝云，吴青君，2004. 世界性重要害虫 B 型烟粉虱的入侵机制. 昆虫学报，47（3）：400 – 406］

de Barro PJ，Driver F，1997. Use of RAPD-PCR to distinguish the B biotype from other biotypes of *Bemisia tabaci* （Gennadius） （Hemiptera：Aleyrodidae）. *Aust. J. Ent.*，36（2）：149 – 152.

Gawel NJ，Bartlett AC，1993. Characterization of differences between whiteflies using RAPD-PCR. *Ins. Mol. Biol.*，2（1）：33 – 38.

Guirao P，Beitia F，Cenis JL，1997. Biotype determination of Spanish populations of *Bemisia tabaci* （Hemiptera：Aleyrodidae）. *Bulletin of Entomological Research*，87：587 – 593.

Horowitz AR，Kontsedalov S，Khasdan V，Ishaaya I，2005. Biotypes B and Q of *Bemisia tabaci* and their relevance to neonicotinoid and pyriproxyfen resistance. *Arch. Insect Biochem. Physiol.*，58：216 – 225.

Lima LHC，Campos L，Moretzsohn MC，Navia D，de Oliveira MRV，2002. Genetic diversity of *Bemisia tabaci* （Genn.） populations in Brazil revealed by RAPD markers. *Genet. Mol. Biol.*，25（2）：217 – 223.

Moya A，Guirao P，Cifuentes D，Beitia F，Cenis JL，2001. Genetic diversity of Iberian populations of *Bemisia tabaci* （Hemiptera：Aleyrodidae） based on random amplified polymorphic DNA-polymerase chain reaction. *Molecular Ecology*，10：891 – 897.

Muniz M，2000. Host suitability of two biotypes of *Bemisia tabaci* on some common weeds. *Entomologia Experimentalis et Applicata*，95：63 – 70.

Muniz M，Nombela G，2001. Differential variation in development of the B- and Q-biotypes of *Bemisia tabaci* （Homoptera：Aleyrodidae） on sweet pepper at constant temperatures. *Environmental Entomology*，30：720 – 727.

Nauen R，Stumpf N，Elbert A，2002. Toxicological and mechanistic studies on neonicotinoid cross resistance in Q-type *Bemisia tabaci* （Hemiptera：Aleyrodidae）. *Pest Management Science*，58：868 – 875.

Pascual S，Callejas C，2004. Intra- and interspecific competition between biotypes B and Q of *Bemisia tabaci* （Hemiptera：Aleyrodidae） from Spain. *Bulletin of Entomological Research*，94：369 – 375.

Rúa P，Simón B，Cifuentes D，Martinez-Mora C，Cenis JL，2006. New insights into the mitochondrial phylogeny of the whitefly *Bemisia tabaci* （Hemiptera：Aleyrodidae） in the Mediterranean Basin. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*，44（1）：25 – 33.

Saccheri I，Kuussaari M，Kankare M，Vikman P，Fortelius W，Hanski I，1998. Inbreeding and extinction in a butterfly metapopulation. *Nature*，392：491 – 494.

Tang QY，Feng MG，1997. Practical Statistics and DPS Data Processing System. Beijing：China Agriculture Press. 1 – 407. ［唐启义，冯明光，1997. 实用统计分析及其计算机处理平台. 北京：中国农业出版社. 1 – 407］

Ueda S，Brown JK，2006. First report of the Q biotype of *Bemisia tabaci* in Japan by mitochondrial cytochrome oxidase Ⅰ sequence analysis. *Phytoparasitica*，34（4）：405 – 411.

Xu J，Wang WL，Liu SS，2006. The occurrence and infestation of *Bemisia tabaci* biotype Q in partial regions of Zhejiang province. *Plant Protection*，32（4）：121. ［徐婧，王文丽，刘树生，2006. Q 型烟粉虱在浙江局部地区大量发生危害. 植物保护，32（4）：121］

Zhang LP，Zhang YJ，Zhang WJ，Wu QJ，Xu BY，Chu D，2005. Analysis of genetic diversity among different geographical populations and determination of biotypes of *Bemisia tabaci* in China. *Journal of Applied Entomology*，129（3）：121 – 128.

（责任编辑：袁德成）